



TITLE:

# 自由28 サルのストレス応答に関する酵素の基礎的研究(V 共同利用研究 2.研究成果)

AUTHOR(S):

鈴木, 一; 手塚, 修文

---

CITATION:

鈴木, 一 ...[et al]. 自由28 サルのストレス応答に関する酵素の基礎的研究(V 共同利用研究 2.研究成果). 霊長類研究所年報 2000, 30: 126-126

ISSUE DATE:

2000-10-01

URL:

<http://hdl.handle.net/2433/165345>

RIGHT:

FISH法を用いた遺伝子オーダーリングに基づく霊長類X染色体の構造変化に関する研究  
 黒岩麻里(名古屋大・生命農学・動物遺伝、北海道大・地球環境科学・染色体細胞学)、松田洋一(北海道大・理・染色体)

哺乳類のX染色体は、常染色体に比べ、進化過程において染色体間に生じる構造変化が少なく、非常に保存的である。しかし、進化過程においてX染色体内に主として逆位などの構造変化が生じるため、いくつかの動物種間で遺伝子オーダーが異なることが知られている。そこで、チンパンジー、シロテテナガザル、アカゲザル、アフリカミドリザル、マントヒヒ、ケナガクモザル、コモンマーモセット、ギャラゴ、以上8種の霊長類においてX染色体の遺伝子オーダーを調べ、比較することにより、霊長類の進化過程において生じたX染色体の構造変化を明らかにすることを目的とした。

上記のサルから採血し、リンパ球の培養を行い良好なRバンドを呈した染色体標本を作製することができた。そして、13個のヒトのX染色体上に存在する機能遺伝子のcDNAクローンをdirect R-banding FISH法を用いて上記のサルのX染色体上にマップした結果、ヒトのX染色体長腕末端部に存在するFilamin (FLN) 遺伝子のみがギャラゴ、ケナガクモザルを除く6種のサルのX染色体長腕末端部にマップされた。このことからヒトと6種のサルのX染色体長腕末端部間には逆位が存在しない可能性が示唆された。また、今回マップされなかった12個の遺伝子は、サイズが0.6-1.1kbと小さいため、マップされなかったと考えられる。今後は、より大きいサイズのcDNAクローンをを用いてマッピングを進める予定である。

## サルのストレス応答に関する酵素の基礎的研究

1鈴木 一・1,2手塚修文 (1名古屋大・大学院・人間情報・物質/生命情報、2名古屋大・情報文化・自然情報)

環境要因の変動に対して生物はストレス応答を示す。サルは、野生やケージなどでの生活環境や単独・集団生活による生活空間・状況の差違、その他の生活条件の変動に伴い行動や餌の欲求度・体調(生理的変動)に変化が見られる。これらの変化はストレス応答に関与する幾つかの酵素の誘導・活性化などの制御機構の変動によって起こるものと考えられる。サルではその実態については未だ報告されていない。本研究ではニホンサルのストレスについて環境・生活状況の変動との観点からストレス応答の制御機構を酵素レベルで解明することを目的とする。

1998年度に続いて1999年度はニホンサルの大脳・小脳・肝臓・胃・心臓・脾臓・腎臓・脾臓・肺・腸・筋肉・血液において、ストレス応答に関与する酵素の多形分子種(アイソザイム)について解析した。NAD(P)H酸化酵素とアスコルビン酸酸化酵素の活性は特に腎臓で高く、キサンチン酸化酵素とカタラーゼの活性は特に脾臓で高かった。スーパーオキシドジスムターゼの活性は心臓と小脳で特に高かった。また、これらの酵素のアイソザイムを検出するため活性染色による測定を行った結果、臓器などの違いによってそれぞれのアイソザイムのバンド数や各バンドの量比は異なることが明らかになった。これはサルの周りの環境条件に伴って、臓器などの違いによって受けるストレス応答には酵素レベルで質的・量的な差違が生じることが示唆される。